

BA03

POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO DE RIZOBACTÉRIAS ISOLADAS DE ARROZ ALAGADOProcópio, A. R. L.^{1,2}, Abakerli, R. B.², Harakava, R.³, Melo, I. S.².

E-mail: aldo@cnpma.embrapa.br

1 Universidade de São Paulo, 2 Embrapa Meio Ambiente, 3 Instituto Biológico de São Paulo

Palavras chave: Biodiversidade, Biodegradação, Herbicida

Diversas espécies de bactérias possuem a capacidade de degradar compostos xenobióticos, sendo os maiores índices de degradação observados na rizosfera, onde há uma maior diversidade e atividade bacteriana. Dentro deste contexto, esse trabalho teve como objetivos: isolar, identificar bactérias da rizosfera de arroz capazes de utilizar o herbicida propanil como única fonte de carbono e quantificar a degradação deste herbicida, e avaliar a diversidade genética por meio do seqüenciamento do gene que codifica a subunidade 16S do RNA ribossômico (16S rDNA). Foram coletadas amostras de solo em campos de arroz, de diferentes localidades do Estado de Santa Catarina, com histórico de aplicação do propanil por cerca de 30 anos. A seleção de microrganismos degradadores de propanil foi realizado em fermentador e posteriormente plaqueados e isolados em meio mineral tendo o propanil como única fonte de carbono. O seqüenciamento do gene 16S rDNA das linhagens resistentes ao herbicida propanil foram realizadas no Instituto Biológico de São Paulo, pelo Dr. Ricardo Harakava, analisadas via BLAST, as análises cromatográfica foram realizadas em cromatógrafo HP 5690 – Injetor automático HP 7376. A coluna utilizada foi J&W scientific DB-5 30cm x 0.530 micra x 1.5micron. O tempo de retenção do propanil foi de 18.2 minutos. As amostras foram analisadas por detector ECD (300C). Através da técnica de isolamento utilizada neste trabalho 20 isolados foram obtidos para a análise por 16S rDNA mostrou a existência de um único gênero bacteriano, o gênero *Pseudomonas*. A análise foi realizada por meio do programa ARB (<http://www.arb-home.de/>), mostrando que o gênero *Pseudomonas* é composto por 3 grupos filogeneticamente relacionados. Este estudo mostra que a diversidade genotípica de *Pseudomonas* degradadoras de propanil, é baixa apesar da ampla distribuição do gênero *Pseudomonas*, e de sua capacidade de colonizar diferentes ambientes e utilizar compostos xenobióticos como fonte de carbono. Pela análise cromatográfica foi possível recuperar 60% do propanil adicionado ao meio mineral com o isolado AF1, e 40% do propanil adicionado ao meio mineral com o isolado AF7, após 15 dias de incubação, indicando que o isolado AF7, apresenta um potencial de degradação maior que o isolado AF1,